

이인석 교수팀, 유전자 소셜 네트워크로 암유전자 찾아낸다

새로운 암유전자
발굴·치료 등 유전체
연구 기여

유전체학 분야 최고 권위
학술지 '게놈 바이올로지'에
게재



이인석 교수팀(생명공학과)이 국제 공동연구를 통해 암유전체 빅데이터에서 유전자 소셜 네트워크를 이용해 암을 유발하는 유전자를 찾아내는 시스템을 개발했다. 유전자 소셜 네트워크란 인간의 유전자들 사이의 기능적인 관계를 네트워크로 보여주는 모델이다.

널리 알려진 것처럼 암은 주요 사망원인임에도 불구하고 아직 완벽히 정복되지 못한 질병이다. 암을 유발하는 암 유전자가 철저히 규명되지 못한 까닭에 많은 연구가 암 유전자를 발굴하는 데 집중되고 있는데, 그 노력의 일환 중 하나가 암유전체 빅데이터 생산이다.

차세대염기서열분석(NGS) 기술의 발달로 인간 유전자 전체의 염기서열을 보다 용이하게 읽을 수 있게 됐다. 이는 암 환자의 유전체에 적용되어 암유전체 빅데이터의 생성을 촉진했다. 차세대염기서열분석은 현재 각광받는 암유전자 발굴 방법으로서 종양부위의 유전체 염기서열을 정상조직 유전체의 염기서열과 비교·분석하여 암 유전자를 발굴하는 것이다. 하지만 돌연변이의 빈도가 낮은 암 유전자에 대한 예측이 어렵다는 한계가 있어 근래에는 추가적인 생물학적 정보를 통합하여 암 유전자들을 발굴하는 새로운 알고리즘의 개발 연구가 각광받고 있다.

이번 연구에서는 유전자 소셜 네트워크를 이용해 암유전체 빅데이터를 효과적으로 분석함으로써 새로운 암 유전자를 예측·발굴하는 웹기반 예측 시스템 '머핀(MUFFINN, www.inetbio.org/muffinn)'을 개발했다. 암이 단일 유전자 손상에 의한 질환이 아닌 관련 유전자 네트워크의 손상에 의한 질환이라는 암유전자 네트워크 가설에 근거해 자신의 돌연변이 빈도가 낮아도 이웃 유전자의 돌연변이 빈도가 높으면 암유전자로 예측하는 방법이다.

이 같은 네트워크 기반의 방법을 기존 암유전체 빅데이터와 통합해 분석하면 현재 알려진 암유전자들 이외에 더 많은 새로운 암유전자 발굴을 기대할 수 있다. 실제로 국제 유전체연구팀(TCGA: The Cancer Genome Atlas)이 발표한 18종의 암유전체 빅데이터를 개발된 시스템에 적용시켜 본 결과, 잘 알려진 암유전자뿐만 아니라 새로운 암 유전자도 효과적으로 예측할 수 있었다. 특히 돌연변이 출현 빈도가 낮아서 기존의 통계적 방법으로는 예측이 불가능했던 다수의 유전자들이 머핀 시스템으로 효과적으로 예측되었다는 점이 주목할 만하다.

연구팀은 지난 수년 간 유전자 소셜 네트워크를 유전체 빅데이터 분석에 효율적으로 접목시켜왔다. 특히 이번 연구에서는 대표적인 복합 질환인 암 연구에 유전자 소셜 네트워크를 성공적으로 이용함에 따라 네트워크가 복잡질환 연구의 장애물을 극복하는 데에 크게 기여할 수 있음을 보여줬다.

한편, 본 연구에는 이인석 교수 연구실에서 박사학위를 받고 현재 미국에서 연구하고 있는 조아라 박사가 주저자로 참여했다. 연구 결과는 지난 6월 23일 유전체학 분야 최고 권위 학술지 게놈 바이올로지(Genome Biology)에 게재됐다.